

図2 L鎖サブタイプと骨病変 (文献10より改変)

産生免疫グロブリンのL鎖サブタイプ依存性遺伝子群の発現プロファイルを基に患者の系統樹を作成した。解析した患者の中で骨病変がないか軽微なサンプルを青色で、また骨病変が重度の患者を黒色で表す。

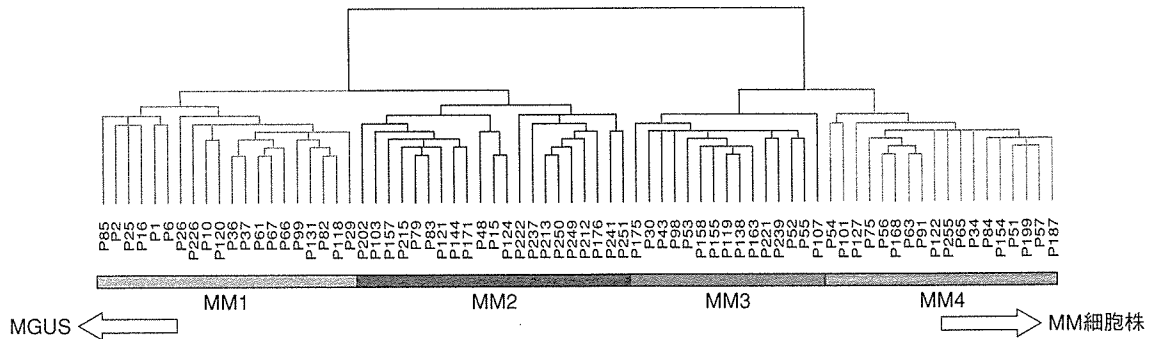


図3 MM患者サンプルの遺伝子発現プロファイルによる系統樹 (文献13より改変)

MM患者74例の骨髄CD138陽性細胞における遺伝子発現プロファイルを基にサンプルの系統樹を作製したところ、MM1～MM4までの4種類のサブタイプに大きく分類されることが示された。なおMM1はMGUSのCD138陽性細胞に似た発現プロファイルを持ち、MM4は骨髄腫細胞株群と似たプロファイルをもつ。

表2 M1～M4間で発現量が異なる遺伝子<sup>13)</sup>

accession no.	function	gene symbol	MM1 (N=20) P	MM4 (N=18) P	$\chi^2$	WRS P value
D00596	DNA replication	TYMS	3	18	24.35	$1.26 \times 10^4$
U35835	DNA repair	PRKDC	2	17	23.75	$4.55 \times 10^6$
U77949	DNA replication	CDC6	1	13	15.62	$5.14 \times 10^6$
U91985	DNA fragmentation	DFFA	1	12	13.38	$6.26 \times 10^5$
U61145	transcription	EZH2	4	15	12.77	$1.67 \times 10^4$
U20979	DNA replication	CHAF1A	2	12	10.75	$1.10 \times 10^4$
U03911	DNA repair	MSH2	0	9	10.48	$2.88 \times 10^6$
X74330	DNA replication	PRIM1	0	9	10.48	$9.36 \times 10^6$
X12517	SnRNP	SNRPC	0	9	10.48	$5.26 \times 10^6$
D85131	transcription	MAZ	0	9	10.48	$1.08 \times 10^5$
L00634	farnesyltransferase	FNTA	10	18	9.77	$7.28 \times 10^5$

WRS: Wilcoxin rank sum test

#### D. 形質細胞の分化様式

Bリンパ球は最終的に形質細胞へと分化成熟し免疫グロブリン蛋白を大量に産生ようになる。しかし初期のBリンパ球発生が比較的詳細に検討されてきたのに比し、最終段階である形質細胞への分化がどのようなメカニズムによって調整されているかはほとんど知られていない。このようなBリンパ球の発達様式の解明にもDNAチップは強力なツールとなり得るであろうし、またそのような知見はMM細胞の起源にも重要な情報を与えるであろう。

扁桃でのBリンパ球は同じ組織内でCD138陽性形質細胞へと分化し、やがて末梢血中に移行した後、骨髄へホーミングすると考えられている<sup>15)</sup>。そこでZhanらは扁桃内に存在するCD19陽性Bリンパ球(7例)、扁桃のCD138陽性形質細胞(11例)および骨髄のCD138陽性形質細胞(31例)を、それぞれCD19あるいはCD138に対する親和性磁気ビーズカラムにて純化し、Affymetrix HuGeneFLまたはHGU95Av2にて遺伝子発現プロファイル解析を行った<sup>16)</sup>。その結果、これまで知られているとおりCD45, CD19, CD20等の表面マーカーは形質細胞への分化に伴い発現が低下し、一方CD138, CD38, CD63な

どは最終分化に伴って誘導されることが確認された。

Zhanらは次に分化の初期過程である扁桃内でのCD19陽性Bリンパ球からCD138陽性形質細胞への分化に伴って発現量が変化する遺伝子を抽出し、表3に示されるようにBMI1やIRF4などの転写因子、アポトーシス調節因子であるCASP10、細胞接着に関わるITGA6, PECAM1等が分化に伴って発現が誘導されることを示した。一方、分化に伴い発現が抑制される遺伝子として転写因子であるETS1等が認められた。また、その他にも細胞周期調節因子やケモカイン、接着因子など様々な遺伝子の発現が扁桃内でのBリンパ球の成熟に際し大きく変化することも示された。興味深いことに細胞増殖に直結する転写因子であるMYCは、扁桃内でのCD138陽性への分化に伴い一旦発現が減少するが、骨髄へのホーミングに際して再び発現誘導されることも明らかになった。

次に扁桃内形質細胞から骨髄の形質細胞への移行に伴い発現が制御される遺伝子であるが、表3にあるBMI1やSTCHなど扁桃内で発現が誘導された遺伝子の一部は、骨髄への移行に際し発現がさらに活性化されることも確認された。また扁桃内では全く発現がないが骨髄において初めて発現が確認された遺伝子として、表4にあるように複

表3 扁桃内で発現量が変化する遺伝子<sup>16)</sup>

accession no.	symbol	function	TBC	TPC	BPC
U60519	<i>CASP10</i>	apoptosis	-	+	++
X53586	<i>ITGA6</i>	adhesion	-	+	++
U04735	<i>STCH</i>	chaperone	+	++	++
L13689	<i>BMI1</i>	transcription; repressor; PcG	+	++	+++
L34657	<i>PECAM1</i>	adhesion	+	++	+++
U52682	<i>IRF4</i>	transcription; IRF family	+	+++	+++
M31627	<i>XBPI</i>	transcription; bZip family	+++	++++	++++
AB000410	<i>OGG1</i>	DNA glycosylase	+	-	-
D87432	<i>SLC7A6</i>	solute transporter	+	-	-
J04101	<i>ETS1</i>	transcription; ets family	+	-	-

TBC: tonsil B cell, TPC: tonsil plasma cell, BPC: bone marrow plasma cell

数のシグナル伝達分子が認められた。

このようにしてBリンパ系細胞の最終分化における遺伝子発現プロファイルの変化が明らかにされたが、Zhanらによる本研究の重要性はむしろ、すでに明らかにされたMMのサブタイプがこれら異なった分化段階のそれぞれに相当することを示した点であろう。彼らはまず扁桃内で発現変化する遺伝子群(表3を含む)の中で、扁桃Bリンパ球およびMM細胞間で発現量が似ているのを選びだした。また扁桃形質細胞-骨髓形質細胞間で発現変化する遺伝子群(表4)の中でMM細胞と発現量が似ているものも抽出した。これら扁桃Bリンパ球-扁桃形質細胞-骨髓形質細胞のいずれかの段階とMM細胞間で発現量が似ている遺伝子群を用いてサンプル全体の系統樹を作成したところ、形質細胞の各分化段階のサンプルと同じグループに分類される患者サンプルが明らかになった。

本データはMM細胞の起源自体が複数の分化段階の細胞から生じうることを示唆するのも知

れないし、少なくとも遺伝子発現様式の面からは悪性化した骨髓腫細胞が未熟な扁桃Bリンパ球に似ているものから、成熟した骨髓形質細胞に似ているものまで多様であることが明らかである。これまでMMの起源を議論するときMM自体は(少なくとも分化段階においては)均質なものと仮定されていたが、現実には異なるようである。しかも興味深いことに、これら「異なった分化段階の形質細胞」に類似した各患者グループは、Zhanらが以前報告したMMのサブグループ(MM1~4)にオーバーラップするのである(表5)。たとえば扁桃Bリンパ球に似た患者グループ22例の内、13例が以前報告されたMM4群に属し、残りはMM1群3例、MM2群1例、MM3群4例となった。同様に扁桃形質細胞に似た患者グループ29例の内14例はMM3群に属し、骨髓形質細胞に似た患者サンプル20例の内14例はMM2群に属する。もちろん両基準による患者分類は完全に一致しているわけではなく、どちらの分類法がより正確に患者予後に関連しているかは今後の解

表4 最終分化に伴い発現量に変化する遺伝子<sup>16)</sup>

accession no.	symbol	function	TPC	BPC
U32114	<i>CAV2</i>	signaling; membrane caveolae	-	+
U60115	<i>FHL1</i>	signaling; LIM domain	-	+
U73936	<i>JAG1</i>	signaling; Notch ligand	-	+
X57025	<i>IGF1</i>	signaling; growth factor	-	+
Z32684	<i>XK</i>	membrane transport	-	+
D10511	<i>ACAT1</i>	metabolism; ketone	-	++
Y08999	<i>ARPC1A</i>	actin polymerization	-	++
M14745	<i>BCL2</i>	signaling; antiapoptosis	-	++
M24486	<i>P4HA1</i>	collagen synthesis	-	++
M60315	<i>BMP6</i>	signaling; TGF family	-	++

TPC: tonsil plasma cell, BPC: bone marrow plasma cell

表5 正常細胞における分化レベルに近似したMMサブグループ<sup>16)</sup>

分化様式でのグループ	MM1 (n=20)	MM2 (n=21)	MM3 (n=15)	MM4 (n=18)	P
扁桃Bリンパ球に近似 (n=22)	3	1	5	13	0.00005
扁桃形質細胞に近似 (n=29)	8	4	14	3	0.000008
骨髓形質細胞に近似 (n=20)	6	14	0	0	0.000001

析を待たなくてはならない。しかし、おそらく予後不良群と考えられるMM4が正常形質細胞の分化段階においては未熟な扁桃Bリンパ球に近似しており、予後良好が予想されるMM2群が最も成熟した骨髄形質細胞に似ていることは、形質細胞の悪性化機構を考える上できわめて興味深いといえる。

#### むすび

著者らは以前より、疾患責任分画を純化した上でゲノミクス解析を行うアプローチ（BAMPスクリーニング）の重要性を提唱してきた<sup>17-19)</sup>。たとえば急性骨髄性白血病の解析であればCD133陽性造血幹細胞相当分画が、NK細胞増多症の解析であればCD3陰性CD56陽性NK細胞分画がそのような解析の標的として適切であろうし、MM/MGUSの解析では本稿に示すようにCD138陽性分画こそが解析対象として最適であろう。これらの解析の結果得られたMMに関する情報はいずれも貴重であるが、実際の疾患発症機構解明にどの程度寄与できるかはいまだ不明である。言い換えればチップ解析の結果得られた疾患関連遺伝子の内どれがMM発症に直接寄与しているのかは今後の分子生物学的解析を待たなくてはならない。しかしながら、疾患の診断・分類を考える上では本稿で述べたような遺伝子発現情報は貴重であり、今後は実際の患者予後、化学療法に対する反応性などの臨床情報をどれだけ精度よく予測可能かに研究の焦点が移行するであろう。また臨床応用を目指す上では、解析に必要な遺伝子数をさらに絞り込むことも重要となると考えられる。

#### 文献

- 1) Ludwig H, Meran J, Zojer N. Multiple myeloma: an update on biology and treatment. *Ann Oncol* 1999; 10: S31-43.
- 2) Hallek M, Bergsagel PL, Anderson KC. Multiple myeloma: increasing evidence for a multistep transformation process. *Blood* 1998; 91: 3-21.
- 3) Kyle RA, Therneau TM, Rajkumar SV, et al. A long-term study of prognosis in monoclonal gammopathy of undetermined significance. *N Engl J Med* 2002; 346: 564-9.
- 4) Attal M, Harousseau JL, Stoppa AM, et al. A prospective, randomized trial of autologous bone marrow transplantation and chemotherapy in multiple myeloma. *Intergroupe Francais du Myelome. N Engl J Med* 1996; 335: 91-7.
- 5) Gahrton G, Svensson H, Cavo M, et al. Progress in allogeneic bone marrow and peripheral blood stem cell transplantation for multiple myeloma: a comparison between transplants performed 1983-93 and 1994-8 at European Group for Blood and Marrow Transplantation centres. *Br J Haematol* 2001; 113: 209-16.
- 6) The genome international sequencing consortium. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 2001; 409: 860-921.
- 7) Venter JC, Adams MD, Myers EW, et al. The sequence of the human genome. *Science* 2001; 291: 1304-51.
- 8) Cheung VG, Morley M, Aguilar F, et al. Making and reading microarrays. *Nat Genet* 1999; 21: 15-9.
- 9) Chilosi M, Adami F, Lestani M, et al. CD138/syndecan-1: a useful immunohistochemical marker of normal and neoplastic plasma cells on routine trephine bone marrow biopsies. *Mod Pathol* 1999; 12: 1101-6.
- 10) Magrangeas F, Nasser V, Avet-Loiseau H, et al. Gene expression profiling of multiple myeloma reveals molecular portraits in relation to the pathogenesis of the disease. *Blood* 2003; 101: 4998-5006.
- 11) Abe M, Hiura K, Wilde J, et al. Role for macrophage inflammatory protein (MIP)-1alpha and MIP-1beta in the development of osteolytic lesions in multiple myeloma. *Blood* 2002; 100: 2195-202.
- 12) Bataille R, Chappard D, Marcelli C, et al. Osteoblast stimulation in multiple myeloma lacking lytic bone

- lesions. *Br J Haematol* 1990; 76: 484-7.
- 13) Zhan F, Hardin J, Kordsmeier B, et al. Global gene expression profiling of multiple myeloma, monoclonal gammopathy of undetermined significance, and normal bone marrow plasma cells. *Blood* 2002; 99: 1745-57.
  - 14) Greipp PR, Katzmann JA, O'Fallon WM, et al. Value of beta 2-microglobulin level and plasma cell labeling indices as prognostic factors in patients with newly diagnosed myeloma. *Blood* 1988; 72: 219-23.
  - 15) Medina F, Segundo C, Campos-Caro A, et al. The heterogeneity shown by human plasma cells from tonsil, blood, and bone marrow reveals graded stages of increasing maturity, but local profiles of adhesion molecule expression. *Blood* 2002; 99: 2154-61.
  - 16) Zhan F, Tian E, Bumm K, et al. Gene expression profiling of human plasma cell differentiation and classification of multiple myeloma based on similarities to distinct stages of late-stage B-cell development. *Blood* 2003; 101: 1128-40.
  - 17) Miyazato A, Ueno S, Ohmine K, et al. Identification of myelodysplastic syndrome-specific genes by DNA microarray analysis with purified hematopoietic stem cell fraction. *Blood* 2001; 98: 422-7.
  - 18) Ohmine K, Ota J, Ueda M, et al. Characterization of stage progression in chronic myeloid leukemia by DNA microarray with purified hematopoietic stem cells. *Oncogene* 2001; 20: 8249-57.
  - 19) Makishima H, Ishida F, Ito T, et al. DNA microarray analysis of T cell-type lymphoproliferative disease of granular lymphocytes. *Br J Haematol* 2002; 118: 462-9.

# CURRENTS IN HEMATOIMMUNOLOGY

Vol. 20 No. 1 2004

マイクロアレイによる  
造血器腫瘍の鑑別診断

FROM THE EXCERPTA MEDICA DATABASE



Excerpta Medica

# CURRENTS IN HEMATOIMMUNOLOGY

Vol. 20 No. 1 2004

編集

齋藤英彦

国立名古屋病院院長

朝長万左男

長崎大学教授

金丸昭久

近畿大学教授



Excerpta Medica

This publication has been made possible through a grant from



Bayer Yakuhin, Ltd.

©Excerpta Medica, Japan 2004  
Elsevier Japan K.K.

All rights reserved. No part of this publication may be reproduced, stored in a retrieval system or transmitted, in any form or by any means, electronic, mechanical, photocopying, recording or otherwise, without permission in writing from the publisher.

エクセプタ・メディカ

〒106-0044 東京都港区東麻布1-9-15 東麻布1丁目ビル

---

エルゼビア・ジャパン株式会社

乱丁・落丁がございましたら、上記エクセプタ・メディカ宛にお送りください。  
送料小社負担にてお取り替えいたします。



---

## 目次

### Review

マイクロアレイによる造血器腫瘍の鑑別診断	4
----------------------	---

### Current Abstracts

General (No. 1 - 3)	9
造血幹細胞 (No. 4 - 8)	11
感染・免疫 (No. 9 - 15)	14
貧血・輸血 (No. 16-18)	19
血栓・止血 ( No.19 )	20
造血器腫瘍・化学療法・移植 (No. 20-37)	21

# マイクロアレイによる造血器腫瘍の鑑別診断

自治医科大学ゲノム機能研究部

間野 博行

はじめに

ヒトゲノムプロジェクトの成果であるドラフトシーケンスが2001年2月に公表され<sup>1)</sup>、また、ついに euchromatin の完全版配列決定が2003年4月14日に宣言された。現在、得られた配列上に遺伝子の割付作業が行われているが、近い将来にその成果が公表されると思われる。ヒト遺伝子の総数はおそらく3万種類前後になると予想されており、いよいよ「ポストゲノム時代」が訪れつつある。今後の医学研究においては、「膨大ではあるがあくまで有限なヒト遺伝子プール」のなかから特定の特徴を備えた遺伝子を効率良く同定することがますます重要になるであろう。現段階でこのような大規模発現スクリーニングに最も適した方法は、DNAチップ、DNAマイクロアレイ（以下、マイクロアレイ）といえる<sup>2, 3)</sup>。

## 1. マイクロアレイの原理

では具体的に、マイクロアレイを用いて、組織Aと組織Bにおける遺伝子の網羅的発現解析を行う実験を考えてみよう（図1）。まず組織AとBからそれぞれメッセンジャーRNA（mRNA）を抽出し、オリゴdTプライマーを結合させる。これに逆転写酵素を加えて組織AとB由来の相補DNA（cDNA）を合成するわけであるが、その際に組織AのcDNAには緑色の蛍光色素Cy3を、また組織BのcDNAには赤色の蛍光色素Cy5を取り込ませる。その結果、組織AとBのcDNAは異なった波長の emission light を有する蛍光色素で標識されたことになる。これらを等量混合し、マイクロアレイとハイブリダイゼーションさせるわけである<sup>4)</sup>。

その結果、Cy3標識cDNAとCy5標識cDNAは、スポット上の各遺伝子の組織AとBにお

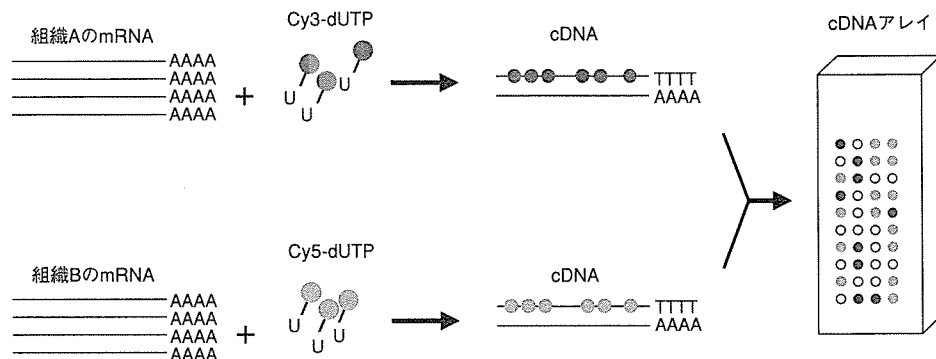


図1 DNAマイクロアレイを用いた発現解析の原理

組織AとBとの間で遺伝子発現プロファイルを比較したい場合、まず組織AとBそれぞれから等量のmRNAを調製する。次にこれらmRNAからオリゴdTプライマーと逆転写酵素を用いてcDNAを合成する。その際に蛍光色素であるCy3あるいはCy5で標識したdUTP（デオキシウリジン5'-三リン酸）を加えることで、各組織由来のcDNAをそれぞれ異なった蛍光色素で標識する。この標識cDNA混合物をDNAマイクロアレイとハイブリダイゼーションさせることで、各スポットに標識cDNAが結合する。その結果、任意のスポット上の遺伝子に関する組織Aと組織Bにおける発現量の比は、Cy3とCy5との蛍光強度の比で表されることになる。

ける発現量の比に応じた形でスポットに結合する。このマイクロアレイをレーザーで励起すると、あるスポット上の遺伝子が組織 A のみに発現していれば緑色のスポットとなり、B のみに発現していれば赤色のスポットとなる。また両組織においてほぼ等量に発現している遺伝子の場合、黄色のスポットとして見える。このようにして各スポットにおける両色素の蛍光強度を測定することで、それぞれのスポット上の遺伝子の測定サンプル間における発現比が定量できる。1枚のマイクロアレイ上には数千～数万の DNA 断片が配置されており、1回の実験でこれら数多くの遺伝子の発現変化を包括的に解析できるのである。

## 2. 白血病の鑑別診断

では、実際の白血病解析にマイクロアレイはどのように応用可能であろうか？ 旧来の白血病診断法では、①ペルオキシダーゼ、エステラーゼなどの特殊染色、②蛍光活性化セルソーター (FACS) を用いた細胞表面マーカーの解析、③遺伝子異常の解析 (免疫グロブリン遺伝子や T 細胞表面受容体遺伝子の再構成、*bcr-abl* 遺伝子、*PML-RAR $\alpha$*  遺伝子などの有無)、④染色体型の解析、などの情報をもとにそれぞれの疾患における FAB 分類を行ってきた。これらを総合的に解析することで予後判定にある程度リンクした診断が行えるが、上記の解析をすべて行うのは煩雑であり多くの専門技術も必要とする。一方、1枚のマイクロアレイを用いることで旧来の方法で得られる情報がすべて解析可能となれば、診断はより簡便になり、かつ異なった施設間での診断の一致率も上昇するであろう。

たとえば、白血病 A と白血病 B を比べる場合を考えると、両患者から得られた mRNA を用いたマイクロアレイ実験を行うことで、どちらかの疾患に固有な発現パターンをとる遺伝子群を同定することが可能であろう。旧来の細胞形態学などでは困難であった新たな鑑

別診断法が、このようなアプローチで開発可能になると期待される。また病因解析に関しても、たとえば健康成人と白血病 A との mRNA をマイクロアレイで比較することにより、白血病 A においてのみ発現が亢進あるいは低下している遺伝子群を同定することが可能になり、そのなかには疾患の発症に直接関与する遺伝子が含まれている可能性が高い。このようにゲノム医学の手法を用いることで、白血病の病態解析に新たな知見が数多くもたらされると予想される。

マイクロアレイを用いた新しい鑑別診断の試みとして、Golub らは 6,817 遺伝子を配置したマイクロアレイによる急性骨髄性白血病 (AML) と急性リンパ性白血病 (ALL) とを鑑別する可能性について検討した。AML 11 例、ALL 27 例をこのマイクロアレイによって解析した結果、約 50 個の遺伝子が AML と ALL の間で偏って発現していることが明らかになった。そこでこれら “informative genes” から 20 個の遺伝子を選び、それらの発現量の偏りの程度を数値化したものに実際の発現量をかけあわせ、合計することで、それぞれの患者の AML あるいは ALL の確からしさを数値化した。本法を患者における AML と ALL の鑑別診断に応用してみると 38 例中 34 例で正しい診断が行われ、不明が 1 例、3 例が誤診であった。したがって、ある程度の確からしさをもってマイクロアレイによる疾患診断が可能であることがわかった<sup>5)</sup>。

小児 ALL は一般に治療反応性が良いが、*MLL* (mixed-lineage leukemia) 遺伝子の転座の存在は重要な予後不良因子である。11 番染色体長腕に存在する *MLL* 遺伝子は *HOX* 遺伝子の発現を制御する転写因子をコードすると考えられており、染色体転座の結果、*LTG4* など数多くの遺伝子と融合遺伝子産物を生じる。*MLL* 転座をもつ ALL は、*MLL* の名前の由来にあるように、ALL と AML の両方の細胞表面抗原をもつことが多い。Armstrong らは *MLL* 染色体転

座をもつ白血病が、はたして一般的な ALL と異なった遺伝子発現プロファイルをもつ疾患か否かについてマイクロアレイを用いて検証した<sup>6)</sup>。一般の ALL と *MLL* 転座型 ALL とで発現量が異なる遺伝子群をスクリーニングしたところ、後者に特異的な発現を示す遺伝子として、造血幹細胞マーカーである AC133 や FLT3 が同定された。さらに彼らは、*MLL* 転座型白血病がはたして AML, ALL のどちらにより近い疾患なのかをマイクロアレイデータをもとに考察している。まず AML と ALL 患者間で最も大きく発現量が異なる遺伝子 500 種類を選び、それら遺伝子群の発現パターンを比較した。500 種類の遺伝子の発現パターンは実際には互いに独立なわけではなく、患者間での発現の変化の仕方が似た遺伝子が多数存在している。そこで、発現変化が似た 2 つの遺伝子の中間パターンを示すような「仮想遺伝子」を作り出すことで 2 種類の遺伝子の発現パター

ンを 1 種類の遺伝子にて代用することができる。この方法を繰り返すことで、500 種類の遺伝子の発現パターンを任意の次元数まで「まとめる」ことができる。Armstrong らはこのような主成分分析法を用いて 500 種類の遺伝子の発現パターンを最終的に 3 種類まで絞り込み、これら 3 種類の仮想遺伝子の発現量をもとにサンプルを仮想空間に投射した (図 2)。その結果、興味深いことに、*MLL* 転座型白血病サンプルは AML や ALL のどちらとも異なる場所に位置することがわかった。

これらのデータは、マイクロアレイによる発現プロファイルに基づく新しい疾患概念の提唱が可能であることを示唆しており、意義深い。すなわち、マイクロアレイは旧来の診断カテゴリーに応じた鑑別診断マーカーを効率良く同定するだけでなく、診断カテゴリー自体を見直すうえでも有効なのである。

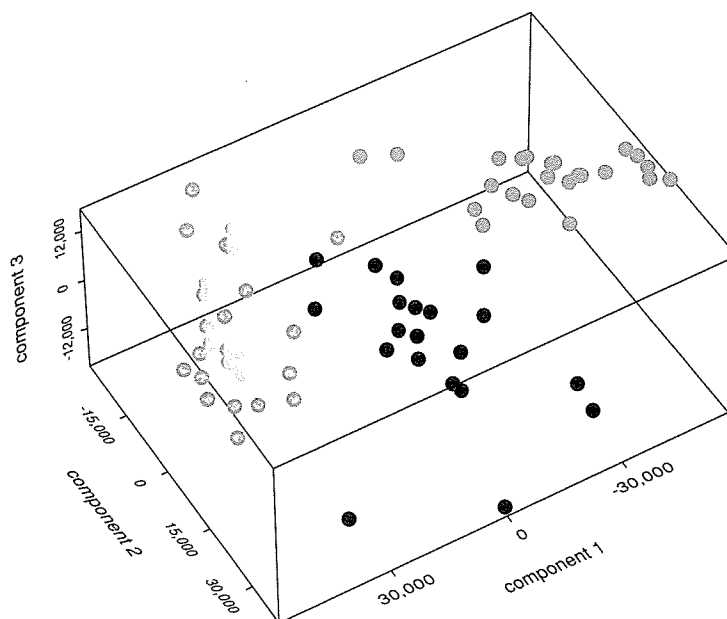


図 2 主成分分析による *MLL* 転座型白血病の独自性

AML と ALL とを鑑別する 500 種類の遺伝子の発現プロファイルより、3 種類の代表的発現パターンを主成分分析法により抽出し、それら仮想遺伝子上での各サンプルの発現量をもとに三次元空間にサンプルを投射した [AML: ○, *MLL* 転座型白血病: ●, ALL: ⊙で表す]。(文献 6 より引用)

### 3. びまん性悪性リンパ腫の鑑別診断

Bリンパ球由来のびまん性大細胞型リンパ腫 (DLBCL) は、日常の臨床で最も高頻度に遭遇する非Hodgkinリンパ腫のサブタイプである。同疾患はしばしばCHOP (シクロホスファミド + アドリアマイシン + ビンクリスチン + プレドニゾロン) 療法などアントラサイクリン系薬剤を中心とした化学療法が有効であるが、寛解となった症例のなかには再発を繰り返すものも多い。AlizadehらはDNAチップを用いて、DLBCLのなかで再発が少ない予後良好群と予後不良群とを鑑別する可能性を検討した<sup>7)</sup>。この目的のために、まず濾胞中心Bリンパ球および各種悪性リンパ腫のcDNAライブラリーから得られたcDNAなど計17,856遺伝子をスポットしたカスタムチップを用意し、DLBCL、濾胞性リンパ腫および慢性リンパ性白血病の患者サンプルを用いてDNAチップ解析を行った。また比較のために、健康成人より得られた各種リンパ組織サンプル、および刺激を加え活性化させた末梢B、Tリンパ球などについても検討している。

その結果、DLBCLには濾胞中心Bリンパ球に遺伝子発現パターンが似ている群と活性化Bリンパ球に似ている群が存在することが示され、しかも両群間で予後に有意な差が認められることが明らかになった。すなわち、活性化Bリンパ球に似た細胞からなるDLBCL患者の5年生存率 (16%) は、濾胞中心Bリンパ球に似た細胞からなるDLBCL患者のそれ (76%) に比べて有意に低いのである (図3)。このことはDNAチップによる解析で非Hodgkin悪性リンパ腫の新たなサブグループが定義可能なこと、しかもその分類が予後判定に有意な情報を与えることを示唆しており、今後の臨床におけるDNAチップの新たな可能性を示したものとして意義深い。

またRosenwaldらは、米国National Cancer Instituteにて作製したcDNAマイクロアレイ (Lymphochip, 約12,200種類のヒト遺伝子

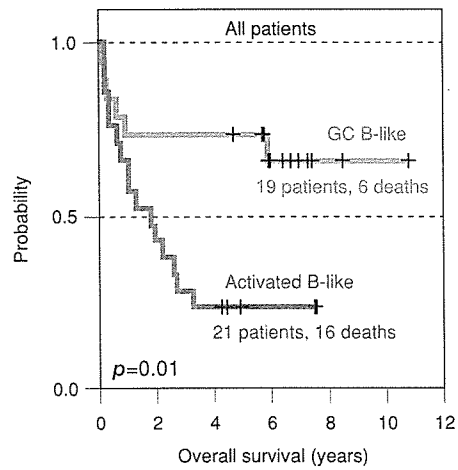


図3 DLBCLの予後

DLBCL患者を、リンパ節の遺伝子発現プロファイルから「濾胞中心Bリンパ球に発現パターンが似たサンプル群 (GC B-like)」と「活性化Bリンパ球に似た群 (Activated B-like)」に分け、両者の生命予後をグラフにした。後者が有意に予後不良群であることがわかる。(文献7より引用)

cDNAを配置)を用いて、DLBCL 240例のサンプルにおいて遺伝子発現プロファイルを得た<sup>8)</sup>。Alizadehらが報告した「濾胞中心Bリンパ球に発現パターンが似たサンプル群」と「活性化Bリンパ球に発現パターンが似たサンプル群」を鑑別するのに役立つ100種類の遺伝子における発現量をもとに240例のDLBCL症例をクラスタリングすると、サンプルがAlizadehらの提唱する2群とさらに第3のグループ“type 3 subgroup”に分けられることがわかり、また各グループの平均5年生存率はそれぞれ60%、35%および39%であった。旧来用いられてきた予後予測法 (International Prognostic Index; IPI)<sup>9)</sup>によるサブグループの割合はこれら3群間で分布に偏りがないため、遺伝子発現プロファイルはIPIスコアとは独立した予後予測法であることがわかった。

おわりに

マイクロアレイは意外にも偽陽性・偽陰性データの多い実験系であり、「両刃の剣」としての側面がある。慎重にデザインされた実験においてのみ、そのきわめて高いスクリーニ

ング能力が有意義な実験結果を生むと考えられる。ポスト・ゲノム時代における医学の発展のうえでマイクロレイシステムが重要な役割を果たすことは間違いない。白血病類縁疾患においてもわが国に特徴的な疾患が数多くあり、これらの解析がマイクロレイという新しいアッセイ系を得て大きく進歩することを期待したい。

#### 文献

- 1) International Human Genome Sequencing Consortium. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 2001, 409: 860-921.
- 2) Cheung VG, Morley M, Aguilar F, *et al.* Making and reading microarrays. *Nat Genet* 1999, 21(Suppl 1): 15-19.
- 3) Duggan DJ, Bittner M, Chen Y, *et al.* Expression profiling using cDNA microarrays. *Nat Genet* 1999, 21(Suppl 1): 10-14.
- 4) 間野博行. DNA チップ法. 血液・固形腫瘍診断マニュアル, 改訂版, 横田昇平編, フジメディカル出版, 2002 : 70-75.
- 5) Golub TR, Slonim DK, Tamayo P, *et al.* Molecular classification of cancer: Class discovery and class prediction by gene expression monitoring. *Science* 1999, 286: 531-537.
- 6) Armstrong SA, Staunton JE, Silverman LB, *et al.* MLL translocations specify a distinct gene expression profile that distinguishes a unique leukemia. *Nat Genet* 2002, 30: 41-47.
- 7) Alizadeh AA, Eisen MB, Davis RE, *et al.* Distinct types of diffuse large B-cell lymphoma identified by gene expression profiling. *Nature* 2000, 403: 503-511.
- 8) Rosenwald A, Wright G, Chan WC, *et al.* The use of molecular profiling to predict survival after chemotherapy for diffuse large-B-cell lymphoma. *N Engl J Med* 2002, 346: 1937-1947.
- 9) The International Non-Hodgkin's Lymphoma Prognostic Factors Project. A predictive model for aggressive non-Hodgkin's lymphoma. *N Engl J Med* 1993, 329: 987-994.

## General

1

## 血漿 Flt-3 リガンド濃度は局所分割放射線治療中の放射線誘発骨髄傷害と相関する

Plasma Flt-3 ligand concentration correlated with radiation-induced bone marrow damage during local fractionated radiotherapy

Huchet A, Belkacémi Y, Frick J, *et al.*  
IRSN, DPHD/SARAM, B.P. No.17, Fontenay aux Roses Cedex F-92262, France  
*Int J Radiat Oncol Biol Phys* 2003, 57: 508-515.

目的：放射線治療 (RT) 後の患者血漿 Flt-3 リガンド (FL) 濃度の変動が、放射線誘発骨髄傷害の生物指標として有用かを検討する。方法と材料：27 例が RT 施行中に検討された。照射された骨髄容積を測定した。末梢血の血球数と血漿 FL 濃度を RT の前後で測定した。末梢血の血球で膜結合 FL の発現と mRNA の発現も測定した。結果：RT 施行中の血漿 FL 濃度と、末梢血の白血球および血小板の数の間には、負の相関が認められた。さらに、RT 施行中の患者における血中 FL の全量は、累積した放射線量と、照射された骨髄容積の比率と直接的に相関した。結論：血漿 FL 濃度の変動は、分割局所 RT 施行中の放射線誘発骨髄傷害を直接的に反映することが示された。FL のモニタリングが、RT 施行中の Grade 3~4 の白血球減少と血小板減少の発症を予測するための方法として使用できる可能性が示された。

2

## VEGF は T 細胞の発達を阻害し、腫瘍誘導性免疫抑制の一因となる

VEGF inhibits T-cell development and may contribute to tumor-induced immune suppression

Ohm JE, Gabrilovich DI, Sempowski GD, *et al.*  
648 Preston Research Bldg, Vanderbilt-Ingram Cancer Center, Nashville, TN 37232-6838, USA  
*Blood* 2003, 101: 4878-4886.

T 細胞の欠損や早期の胸腺の萎縮は、癌患者や腫瘍をもつ動物において生じる。著者らは、組み換え型の血管内皮増殖因子 (VEGF) を進行癌の患者に認められる程度の濃度でマウスに投与することで、この深刻な胸腺の萎縮を再現し、CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 胸腺細胞の劇的な減少により強調されることを明らかにした。著者らは、VEGF は胸腺のアポトーシスを促すわけではなく、むしろ胸腺において最も早期に認められる前駆細胞の数を急速に減少させることを明らかにした。胎児の胸腺組織の培養において、VEGF は胸腺細胞の成長を阻害するわけではない。このことは胸腺以前の影響を示唆する。著者らはまた、放射線照射を行った未処置の動物へ組み換え型 VEGF とともに注入された動物由来の骨髄前駆細胞は、対照の動物由来の前駆細胞に比べより効果的に胸腺にコロニーを再形成することを示した。このことは、VEGF の投与が骨髄において胸腺前駆細胞の数を増やしていることと関連していることを示唆する。著者らは、病態生理学的に関連した VEGF の濃度がこれらの前駆細胞の分化または移出のどちらか、もしくはその両方を阻害することにより、観察されるような胸腺の萎縮に至るとの仮説を立てた。

注入を中止したり、前駆細胞を類遺伝子系のホストに移すことにより VEGF を除去することは、リンパ球系前駆細胞を T 細胞系へ優先的に組み込むことを促し、そして胸腺の構成と細胞密度を正常へ修復することとなる。これらのデータは病態生理学的な VEGF の濃度が造血前駆細胞から T 細胞への発達を阻害することを証明するが、このことが腫瘍に関連した免疫不全へとつながるのだろう。



## トランスフォーミング増殖因子- $\beta 1$ (TGF- $\beta 1$ ) はケモカイン stromal cell-derived factor-1 (SDF-1) 発現を低下させる——細胞遊走と接着の機能的関連性

**Transforming growth factor- $\beta 1$  down-regulates expression of chemokine stromal cell-derived factor-1: Functional consequences in cell migration and adhesion**  
Wright N, De Lera TL, García-Morúa C, *et al.*  
Centro de Investigaciones Biológicas, Department of Immunology, Velázquez 144, 28006 Madrid, Spain  
*Blood*  
2003, 102: 1978-1984.

ケモカイン stromal cell-derived factor-1 (SDF-1) は骨髄 (BM) 間質細胞で発現しており、BM 細胞遊走に重要な役割を果たす。その発現調節は、造血前駆細胞や白血病細胞のような骨髄を通行する細胞の遊走能力に影響を及ぼす。トランスフォーミング増殖因子- $\beta 1$  (transforming growth factor- $\beta 1$ ; TGF- $\beta 1$ ) は骨髄内に存在し、BM 細胞増殖や分化を制御する中心的分子である。著者らは、SDF-1 発現が、TGF- $\beta 1$  制御やその機能に重要性をもつかどうかを調べるモデルとして BM 間質細胞株 MS-5 を用いた。ここで著者らは、転写効率減少を含む mRNA レベルと、MS-5 の細胞抽出物および上清中の蛋白レベル双方で、TGF- $\beta 1$  は SDF-1 発現を低下させることを示した。TGF- $\beta 1$  処理 MS-5 細胞上清における SDF-1 レベルの減少は、非処理 MS-5 細胞上清に対する反応と比べて、SDF-1 依存性の走化性および BM モデル細胞株である NCI-H929 と Mo7e の内皮間を通過する遊走能の低下に関係していた。さらに、TGF- $\beta 1$  処理 MS-5 細胞上清は、非処理細胞と比べて NCI-H929 や Mo7e の可溶性血管細胞接着因子 (sVCAM-1) や CS-1/フィブロネクチンへのインテグリン  $\alpha 4 \beta 1$  を介する接着を促進する機能は有意に低下していた。さらに、TGF- $\beta 1$  処理 MS-5 細胞上清と非処理細胞上清とを比較した場合、ヒト臍帯 CD34<sup>+</sup> 造血前駆細胞では、処理によって SDF-1 依存性の走化性、内皮間を通過する遊走能の低下を示し、sVCAM-1 への接着が亢進した。これらのデータは、TGF- $\beta 1$  による SDF-1 発現低下は、BM 細胞の遊走と接着に影響を与え、骨髄を通行する細胞輸送に影響を及ぼすことを示す。



## 造血幹細胞

4

### CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> 制御性 T 細胞は、骨髄移植後の GVHD を阻害する一方で、移植片対腫瘍 (GVT) 活性を保持している

CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup> regulatory T cells preserve graft-versus-tumor activity while inhibiting graft-versus-host disease after bone marrow transplantation

Edinger M, Hoffmann P, Ermann J, *et al.*  
Division of Bone Marrow Transplantation, Department of Medicine, Stanford University School of Medicine, 300 Pasteur Drive, Stanford, CA 94305, USA  
*Nat Med*  
2003, 9: 1144-1150.

成熟ドナー T 細胞は GVHD を引き起こすが、それらはまた同種骨髄移植における有用な移植片対腫瘍 (GVT) 活性の主要なメディエーターでもある。GVHD を抑制し、GVT 活性を維持することは、臨床の移植における望ましい結果である。著者らは以前、マウスにおいてドナー由来の CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> 制御性 T 細胞が、同種骨髄移植後の MHC クラス I, クラス II のバリアによって生じる致死的な GVHD を阻害することを示した。今回、著者らは、白血病やリンパ腫をもつ宿主マウスにおいて、CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> 制御性 T 細胞が同種反応性のドナー T 細胞の早期の増殖を抑制し、その IL-2 レセプター (IL-2R)  $\alpha$  鎖の発現を抑制し、また、GVT エフェクター機能を損なうことなく、主にパーフォリン溶解経路により伝達される GVHD を誘導する能力を抑制することを示す。以上のように、CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> T 細胞は、従来のドナー T 細胞によって伝達される GVHD と GVT 活性を分けることができる強力な制御細胞である。

5

### NOD/SCID レシピエントマウスにおけるヒト臍帯血細胞の選択的増幅ではトロンボポイエチンが主要な制限因子である

Thrombopoietin is a major limiting factor for selective outgrowth of human umbilical cord blood cells in non-obese diabetic/severe combined immunodeficient recipient mice

Verstegen MMA, Wognum AW, Wagemaker G.  
Institute of Hematology, Erasmus University Rotterdam, Dr Molewaterplein 50, 3000 DR Rotterdam, Netherlands  
*Br J Haematol*  
2003, 122: 837-846.

致死下放射線照射された非肥満性糖尿病/重度複合免疫不全 (NOD/SCID) マウスに、 $1.5 \times 10^5$  個の CD34<sup>+</sup> 純化臍帯血 (UCB) 細胞を移植した直後、0.3  $\mu$ g の組み換え型ヒトトロンボポイエチン (TPO) を単回投与した。移植 35 日目に、骨髄 (BM) におけるヒト細胞の存在を免疫表現型とコロニー培養法で解析した。TPO 投与群ではヒト CD45<sup>+</sup> 細胞の生着頻度と絶対数が 2 ~ 6 倍に増加していた。TPO 投与にかかわらず、分化したヒト細胞の系統分布には差がなかったが、CD71<sup>+</sup> GpA<sup>-</sup> 細胞には著明な増加が認められた。これは TPO による増殖刺激を反映していると考えられる。未熟 CD34<sup>+</sup> 細胞とヒト GM-CFU, BFU-E の頻度は TPO 投与マウスでは非投与マウスと比較して差がなかったが、絶対数はヒト細胞の増加に比例して増加していた。この結果はヒト TPO が、NOD/SCID マウスにおいて、ヒト UCB 細胞の多系統への増殖の主要な制限因子であり、移植直後に単回投与することで補充可能であることを示す。TPO は移植マウスの生存を延長させず、未熟な CD34<sup>+</sup> CD38<sup>-</sup> 細胞の数を増加させなかった。二次移植において、TPO 投与は長期の造血再構

築能に有意な影響を及ぼさなかった。これらの結果は、移植後におけるヒト造血幹細胞の適切な増幅のために TPO が必要であることを示している。さらに、TPO の単回投与が移植可能なヒト未熟前駆細胞を使用した NOD/SCID マウスにおける解析の効果と再現性を高めるかもしれない。

## 長期造血幹細胞が個体発生で骨髄へ移動増殖するためにはストローマ細胞由来因子-1 が必要である

### Long-term hematopoietic stem cells require stromal cell-derived factor-1 for colonizing bone marrow during ontogeny

Ara T, Tokoyoda K, Sugiyama T, *et al.*  
Department of Medical Systems Control, Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University, 53 Kawahara-cho, Shogoin, Sakyo-ku, Kyoto 606-8507, Japan  
*Immunity*  
2003, 19: 257-267.

造血幹細胞 (HSCs) に対するストローマ細胞由来因子-1 (SDF-1) の生理学的役割はよくわかっていない。長期再構築アッセイにおいて SDF-1<sup>-/-</sup> 胎芽では、骨髄細胞と同様に HSCs の骨髄への移動増殖が著しく障害されていた。HSCs の脾臓への移動増殖もまた影響を受けていたが、骨髄より影響は少なかった。血管特異的 Tie-2 の調節配列下で SDF-1 を強制発現すると、SDF-1<sup>-/-</sup> 骨髄での HSCs の減少を改善できたが、骨髄細胞の減少は改善できなかった。SDF-1 は胎児骨髄の血管内皮細胞の近傍で検出された。SDF-1 は個体発生において HSCs と骨髄細胞の骨髄への移動増殖に重要な働きをしており、その機序は HSCs と骨髄細胞とは異なっている。

## ヒト原始造血細胞を NOD/SCID マウス骨髄へ直接注入することで、SCID 再構築細胞分析が高感度となる

### A highly sensitive strategy for SCID-repopulating cell assay by direct injection of primitive human hematopoietic cells into NOD/SCID mice bone marrow

Yahata T, Ando K, Sato T, *et al.*  
Department of Hematology, Tokai University School of Medicine, Bohseidai, Isehara, Kanagawa 259-1193, Japan  
*Blood*  
2003, 101: 2905-2913.

ヒト造血幹細胞 (HSCs) の能力を測定するために、SCID 再構築細胞 (SRC) 分析が広く用いられている。慣例的にヒト HSCs は、非肥満性糖尿病/重度複合免疫不全 (NOD/SCID) マウスの尾静脈に注入されている。しかし、これらの細胞はマウス骨髄環境に達するまでさまざまな障害を乗り越えなければならず、それがこの分析法の効率が一般的に低い要因とされてきた。HSCs の能力はこの静注移植法では正確に研究できない可能性がある。真の SRC 能、すなわちレシピエント骨髄での自己再生と多分化能を明らかにするため、著者らは HSCs のホーミングを阻害しうる影響を減じた「細胞のマウス骨髄への直接注入法 (iBM)」を従来の静注法と比較検討した。臍帯血 CD34<sup>+</sup>CD38<sup>-</sup>細胞を iBM 法で NOD/SCID マウスに移植した際の SRC 頻度は 1/44 CD34<sup>+</sup>CD38<sup>-</sup>細胞であり、静注法での 1/660 CD34<sup>+</sup>CD38<sup>-</sup>細胞と比べ 15 倍以上高率であった。さらに、iBM 法は二次移植でも生着が高率であった。移植前に

CD34<sup>+</sup>細胞をVLA (very late antigen) -4またはVLA-5抗体でブロックした場合は部分的に生着が減少し、両者ともブロックした場合は完全に抑制したことから、VLA-4およびVLA-5は生着に関して異なった過程で働いているか、または相補的に働いていると示唆される。著者らの結果から、iBM法は感度よくヒトSRCs能を測定できる直接的な方法であり、*in vivo*でHSCsと骨髄環境の相互関係を調べるために有用であることが示された。

## 強度を減弱した前処置による同種末梢血幹細胞移植を施行した患者の転帰におけるCD34<sup>+</sup>細胞数の影響

Impact of CD34<sup>+</sup> cell dose on the outcome of patients undergoing reduced-intensity-conditioning allogeneic peripheral blood stem cell transplantation  
Pérez-Simón JA, Díez-Campelo M, Martino R, *et al.*  
Servicio de Hematología, Hospital Clínico, Universitario de Salamanca, Paseo de San Vicente s/n 37007, Salamanca, Spain  
*Blood*  
2003, 102: 1108-1113.

著者らは強度を減弱した前処置 (RIC) による同種末梢血幹細胞移植を行った86例のCD34<sup>+</sup>細胞数の影響を分析した。RICとはフルダラビン150mg/m<sup>2</sup>+メルファラン140mg/m<sup>2</sup>またはブスルファン10mg/kgを基本とする。輸注したCD34<sup>+</sup>細胞数は中央値で5.68×10<sup>6</sup>/kg、CD3<sup>+</sup>細胞数は2.86×10<sup>8</sup>/kgであった。75パーセントイル (p75) より多いCD34<sup>+</sup>細胞数を輸注されたすべての患者はday 21~28までにTリンパ球で完全キメラとなったが、p75以下の細胞数を輸注した患者の完全キメラは44%であった ( $p = 0.046$ )。全体の30.3%の患者がgrade 2~4の急性GVHD (aGVHD) に進展した。評価可能な83例のうち、55.8%が慢性GVHD (cGVHD) に進展した。輸注したCD34<sup>+</sup>細胞数がcGVHDへの進展に影響を及ぼし、進行性のcGVHDへの累積頻度は、p75より多いCD34<sup>+</sup>細胞数を輸注された患者とp75以下のCD34<sup>+</sup>細胞数を輸注した患者で、それぞれ74%および47%であった ( $p = 0.02$ )。43ヵ月における全生存率 (OS) と無病生存率 (EFS) はそれぞれ60%と46%であった。輸注したCD34<sup>+</sup>、CD3<sup>+</sup>細胞数ともにOS、EFSには有意な影響を及ぼさなかったが、高リスクに区分されp75以下のCD34<sup>+</sup>細胞数を輸注した患者の36%で再発または進展を認め、p75以上のCD34<sup>+</sup>細胞数を輸注した患者ではわずか9%であった ( $p = 0.07$ )。p75以下のCD34<sup>+</sup>細胞数を輸注した高リスク患者の36%が再発したが、低リスクまたは中間リスクの患者では10%であり ( $p = 0.004$ )、p75より多いCD34<sup>+</sup>細胞数を輸注した高リスク群と低/中間リスク群では再発率に明らかな差は認められなかった。このことは高用量のCD34<sup>+</sup>細胞数の輸注は移植時の進行病期によるネガティブな効果を改善することを示唆している。cGVHDは良好なEFS (移植後43ヵ月でcGVHDあり63% vs cGVHDなし16%,  $p < 0.0001$ )、および良好なOS (cGVHDあり78% vs cGVHDなし28%,  $p < 0.001$ ) に関連していた。輸注するCD34<sup>+</sup>細胞数は低リスク患者群ではcGVHDの進展を抑える程度に調整すべきであ

り、移植片対白血病効果が予後を決定するかもしれない高リスク患者群には高用量の CD34<sup>+</sup> 細胞数を輸注すべきである。

## 感染・免疫

### *In vivo* で Flt3 リガンド刺激で作製した樹状細胞と *in vitro* で作製した血液単球由来の樹状細胞の機能比較——特異的な生理的刺激による異なった機能調節

Functional comparison of DCs generated *in vivo* with Flt3 ligand or *in vitro* from blood monocytes: Differential regulation of function by specific classes of physiologic stimuli  
 Jefford M, Schnurr M, Toy T, *et al.*  
 Ludwig Institute Oncology Unit, Austin/Repatriation Medical Centre, Studley Rd, Heidelberg, Victoria 3084, Australia  
*Blood*  
 2003, 102: 1753-1763.

樹状細胞 (DC) は、T 細胞、B 細胞を介した病原体への免疫を開始させる白血球ファミリーである。感染部位からリンパ管流への DC の移動が T 細胞を介した免疫反応が開始する基礎となっている。ヒトでは、主要な末梢血中の DC (PBDC) 型の CD1c<sup>+</sup> DC と、IL-3 レセプター陽性 (IL-3R<sup>+</sup>) 形質細胞様 DC は *in vivo* で Flt3 リガンド (FL) を使用することで有意に増幅する。DC 様細胞は単球の前駆体 (MoDC) から作製することもできる。(自家移植の条件下における) これらの DC の機能の詳細な比較は報告されていない。今回、FL で増幅された CD1c<sup>+</sup> PBDC と自己 MoDC において、(1) 炎症を惹起する伝達物質、(2) 可溶性 CD40 リガンド三量体 (CD40L)、(3) 無傷細菌 (大腸菌)、の 3 つの異なった刺激に反応する機能を比較した。表現型の変化、移動能力、サイトカイン分泌、T 細胞刺激には、有意な差がみられた。MoDC は機能の発現に特異的な刺激を必要とした。これらの細胞は CD40L や大腸菌刺激に強く反応して、T 細胞で IFN- $\gamma$  を調節することが知られているサイトカイン (IL-12p70, IL-18, IL-23) を産生する。しかし、ケモカインへの移動を刺激するにはプロスタグランジン E<sub>2</sub> (PGE<sub>2</sub>) が必要だった。これに対して、PBDC は最低限の刺激によって成熟し、PGE<sub>2</sub> を含む刺激の必要なく急速に移動能を獲得する。サイトカインの産生能は低い。興味深いことに、同種 T 細胞増殖を刺激する能力や、細胞傷害性 T 細胞へのペプチド提示能力には両者で差がみられなかった。臨床応用でどの DC を選ぶか考慮するうえで、これらの明らかな機能の違いはとりわけ重要と思われる。